**Streszczenie zadania 5 w Programie Badań Podstawowych w Produkcji Roślinnej za 2019 r.**

***4-1-01-4-02: „Identyfikacja zmienności genetycznej pszenicy korelującej z potencjałem plonotwórczym i wybranymi cechami systemu korzeniowego.” (prof. dr hab. Anna Nadolska-Orczyk).***

*Cel zadania:*

1. Zadanie obejmowało 1 temat:

Celem zadania w 2019 była kontynuacja oceny dziedziczenia znaczników genetyczno/biochemiczno/fizjologicznych produktywności i masy korzenia w przekazanych przez hodowców genotypach/materiałach hodowlanych i poszerzenie puli charakteryzowanych genotypów (ocena minimum 6 F2; poszerzenie puli genotypów - minimum 10).

*Wyniki i dyskusja*:

Realizacja tematu obejmowała: wykonanie dalszych 4 krzyżowań w celu uzyskania następnych mieszańców pokolenia F1 oraz wytypowanie kolejnego zestawu 10 genotypów pszenicy na podstawie informacji uzyskanych z dotychczas przeprowadzonych badań. W wytypowanych genotypach oraz 36 segregujących pojedynkach F2 z otrzymanych wcześniej 6 mieszańców pokolenia F1 oceniono poziom ekspresji względnej genów *TaCKX1, TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A* w korzeniach siewek i genów *TaCKX1, TaCKX2.1/2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach (7 dni po pyleniu = 7 DAP). Dane te były korelowane z oceną najważniejszych cech fenotypowych, masą korzenia siewek, produktywnością i innymi ważnymi cechami.

Wyniki poziomu ekspresji genów *TaCKX1, TaCKX6* w korzeniach siewek były bardzo niskie; znacznie wyższe wartości uzyskano dla genu *TaNAC2-5A*. Stwierdzono istotną statystycznie korelację pomiędzy ekspresją genu *TaNAC2-5A* z *TaCKX6*. Wskazano na wystąpienie negatywnych korelacji ekspresji tych genów z niektórymi cechami plonotwórczymi jak masa korzenia (z ekspresją *TaCKX1*). Wyniki pomiaru ekspresji genów *TaCKX1, TaCKX2.1* oraz *TaNAC2-5A* w kłosach 7 DAP próbek były wysokie; natomiast dla genu *TaCKX2.2* w kłosie 7 DAP dla 10 genotypów oraz 36 segregujących roślin F2 z sześciu F1 były one znacznie niższe. Stwierdzono pozytywną korelację pomiędzy ekspresją *TaCKX1* a *TaCKX2.1*, a *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A*, a także między ekspresją *TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A*. Wykazano wystąpienie istotnych statystycznie korelacji pomiędzy genami *TaCKX* dla kłosów 7 DAP w fitotronie z wybranymi cechami fenotypowymi jak masa korzenia (z ekspresją genów *TaCKX1* i *TaCKX2.2*) oraz cechy związane z produktywnością (z ekspresją genów *TaCKX1* i *TaNAC2-5A*). Nie było wyraźnej korelacji pomiędzy masą korzenia siewek i ekspresją badanych genów *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A*. Stwierdzono natomiast negatywną i istotną statystycznie korelację ekspresji genu *TaCKX1* z masą korzenia siewki. Istotne, dodatnie lub ujemne korelacje genów *TaCKX1, TaCKX2.2, TaNAC2-5A* z cechami plonotwórczymi świadczą o ich udziale w produktywności.

1. ***Podsumowanie i wnioski:***
2. Istotna statystycznie, silna korelacja pomiędzy ekspresją genów *TaCKX1, TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A*, a także między ekspresją *TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach 7 DAP w fitotronie świadczy o silnej współregulacji tych genów.
3. Pozytywna korelacja pomiędzy ekspresją genu *TaCKX1* w kłosach 7 DAP oraz masą korzenia potwierdza możliwość użycia tej wartości jako miernika do oceny wzrostu korzeni siewek a tym samym prognozowania produktywności roślin.
4. Negatywna korelacja ekspresji genu *TaCKX1* w korzeniu z masą korzenia potwierdza przydatność poziomu ekspresji tego genu jako znacznika masy korzenia a tym samym produktywności.
5. Istotne, dodatnie lub ujemne korelacje genów *TaCKX1, TaCKX2.2, TaNAC2-5A* z cechami plonotwórczymi świadczą o ich udziale w produktywności.
6. Krzyżowanie linii różniących się poziomem ekspresji (w kłosach 7 DAP i korzeniach siewek) oraz cechami plonotwórczymi dostarczy nam informacji na temat dziedziczenia ekspresji tych genów i współdziedziczenia z nimi cech plonotwórczych.

*Wykorzystanie uzyskanych wyników:* Analiza funkcji genów *CKX* u zbóż umożliwi wybór markerów ważnych agronomicznie cech i śledzenie ich w procesach hodowlanych.

*Krótka informacja o wynikach współpracy naukowo-technicznej krajowej i z zagranicą (przy współpracy z zagranicą podać kraj, firmę, temat).* Współpraca z Hodowlą Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR – wybór materiałów do badań.

*Wykaz prac opublikowanych w roku sprawozdawczym*:

Ogonowska H., Barchacka K., Gasparis S., Jablonski B., Orczyk W., Dmochowska-Boguta M., Nadolska-Orczyk A. 2019. Specificity of Expression of *TaCKX* Family Genes in Developing Plants of Wheat and Their Co-Operation Within and Among Organs, Plos One 14 (4): e0214239 doi: 10.1371/journal.pone.0214239.

*Wykład:* Barchacka K., Ogonowska H, Jabłoński B, Orczyk W, Nadolska-Orczyk A. 2019. Cooperation of *TaCKX* genes in regulation of growth and productivity of wheat (*Triticum aestivum* L.). 7th Global Summit on Plant Science, Madrid, Spain, 7-8 października, Volume 07 ISSN: 2329-955X, str. 28-29, (wykład).